

B20

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開平9-224661

(43) 公開日 平成9年(1997)9月2日

| (51) Int.Cl. ⁸ | 識別記号 | 庁内整理番号 | F I | 技術表示箇所 |
|---------------------------|-------|---------|---------------|---------|
| C 1 2 N 9/04 | | | C 1 2 N 9/04 | D |
| C 0 7 H 21/04 | | | C 0 7 H 21/04 | B |
| C 1 2 N 15/09 | Z N A | | C 1 2 N 1/20 | A |
| // C 1 2 N 1/20 | | 9282-4B | 15/00 | Z N A A |
| (C 1 2 N 9/04 | | | | |

審査請求 未請求 請求項の数 3 O L (全 9 頁) 最終頁に続く

| | | | |
|-----------|-----------------|----------|--|
| (21) 出願番号 | 特願平8-36345 | (71) 出願人 | 000005968 三菱化学株式会社 東京都千代田区丸の内二丁目5番2号 |
| (22) 出願日 | 平成8年(1996)2月23日 | (72) 発明者 | 畠山 和久 茨城県稲敷郡阿見町中央八丁目3番1号 三菱化学株式会社筑波研究所内 |
| | | (72) 発明者 | 桑原 孔一郎 茨城県稲敷郡阿見町中央八丁目3番1号 三菱化学株式会社筑波研究所内 |
| | | (72) 発明者 | 小林 幹 茨城県稲敷郡阿見町中央八丁目3番1号 三菱化学株式会社筑波研究所内 |
| | | (74) 代理人 | 弁理士 長谷川 曉司 |
| | | | 最終頁に続く |

(54) 【発明の名称】 グルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼおよびそれをコードするDNA

(57) 【要約】

【課題】 コリネ型細菌由来のグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼをコードするDNAを提供する。

【解決手段】 公知の配列を基に設計したプライマーDNAを用いて、プレバクテリウム・フラバムMJ-233のDNAから上記酵素をコードするDNAの部分断片を単離し、ブランクハイブリダイゼーション、インバースPCR反応等の手法を用いて、該酵素をコードするDNAを得る。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列表の配列番号1記載のアミノ酸配列で示されるグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼ。

【請求項2】 請求項1記載のグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼをコードするDNA。

【請求項3】 配列表の配列番号1記載の塩基配列中629から2083までの塩基配列で示されるグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼをコードするDNA。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】本発明は、グルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼおよびそれをコードするDNAに関する。

【0002】

【従来の技術】グルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼ[EC1.1.1.49]は、ペントースリン酸回路の酵素であり、グルコース-6-リン酸とNADP⁺とからホスホグルコノ-δ-ラクトンとNADPHとを生成する不可逆反応の触媒である。グルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼをコードするDNAについては、原核生物ではエシエリヒア・コリ(*Escherichia coli*)由来の遺伝子[J. Bacteriol., Vol. 173, p. 968 (1991)]、エルウィニア・クリサンセミ(*Erwinia chrysanthemi*)由来の遺伝子[Gene, Vol. 101, p. 51 (1991)]、ロイコノストック・メセンテロイデス(*Leuconostoc mesenteroides*)由来の遺伝子[J. Biol. Chem., Vol. 266, p. 13028 (1991)]等が、単離され、その塩基配列が決定されている。

【0003】しかしながら、アミノ酸合成等、産業上広く用いられているコリネ型細菌については、酵素タンパクおよびその塩基配列については報告されていない。

【0004】

【発明が解決しようとする課題】一般に、由来が異なると、酵素遺伝子は宿主において発現しないまたは発現しにくいことから、コリネ型細菌内で発現可能なコリネ型細菌由来のグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼおよびそれをコードするDNAの単離が望まれていた。

【0005】

【課題を解決するための手段】本発明者らは、上記課題を解決すべく鋭意研究を重ねた結果、遺伝子組み換えの手法を駆使することにより、コリネ型細菌からグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼおよびそれをコードするDNAが単離可能であることを見出し、本発明を完成するに至った。すなわち、本発明の要旨は、配列表の配列番号1記載のアミノ酸配列で示されるグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼおよびそれをコードするDNAに存する。

【0006】

【発明の実施の形態】本発明のグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼ及びそれをコードするDNA(以下、zwf 遺伝子と略記する)は、コリネ型細菌の染色体DNA、具体的には、ブレヴィバクテリウム・フラバム(*Brevibacterium flavum*) MJ-233 (FERM BP-1497) 株から以下に述べる方法で単離、決定することができる。

【0007】まず、上記コリネ型細菌を常法[例えば、特開昭51-130592号公報参照]に従い培養し、培養物から菌体を集め、該菌体から染色体DNAを抽出する。染色体DNAは、例えば、特開平5-15378号公報の実施例1(A)に記載の方法等により菌体から容易に抽出することができる。エシエリヒア・コリ等のグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼの一次構造の相同性の高い部分から逆翻訳したオリゴデオキシリボヌクレオチドをプライマーとしてポリメラーゼ連鎖反応(PCR)を行い、zwf 遺伝子の部分断片を得ることが出来る。

【0008】該断片を鋳型として、染色体DNA制限酵素分解物に対してサザンハイブリダイゼーションを行い、少なくともzwf 断片の一部を含む、染色体DNA制限酵素断片の大きさを決定する。PCRで得られたzwf 遺伝子の部分断片を鋳型として、遺伝子ライブラリーλFIX IIからブラクハイブリダイゼーションで、該断片を含む入ファージを単離した。これをクローニングする。

【0009】この染色体DNA断片を適当な制限酵素を用いて切り出し、得られたDNA断片を適当なクローニングベクター、例えばpUC118(宝酒造製)へサブクローニングし、エシエリヒア・コリJM109株(宝酒造製)を形質転換する。この形質転換株を適当な抗生物質選択下で培養し、培養物から菌体を回収し、菌体から常法、例えばアルカリ-SDS法によりプラスミドを抽出する。このプラスミドに挿入されたDNAの塩基配列を決定することにより、本発明のzwf 遺伝子を含むDNA断片を取得することができる。

【0010】このDNA断片の塩基配列は、ジデオキシヌクレオチド酵素法[dideoxy chain termination 法; Sanger, F et al., Proc. Nat. Acad. Sci. USA, Vol. 74, p. 5463, (1977)]により決定することができる。このようにして決定した上記大きさ約2 kbのDNA断片中の配列を後記配列表の配列番号1に示す。この配列中に存在するオープンリーディングフレームから、本発明のグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼは、配列番号1記載のアミノ酸配列中1から484で示されるアミノ酸配列からなり、またそれをコードするDNAは、例えば、配列番号1記載の塩基配列中の629番目から2083

番号までの塩基配列で示されるものである。

【0011】本発明における *zwf* 遺伝子は、天然の細菌、例えば、コリネ型細菌の染色体DNAから分離されたもののみならず、本明細書記載の塩基配列を元に通常用いられるDNA合成装置、例えばベックマン社製システム-1プラス (System-1 Plus) を用いて合成されたものであってもよい。また、前記の如くコリネ型細菌の染色体から取得される本発明のDNA断片は、グルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼをコードする機能を実質的に損なうことがない限り、塩基配列の一部の塩基が他の塩基と置換されていても、削除されていてもよく、新たに塩基が挿入されていてもよく、あるいは塩基配列の一部が転位されているものであってもよく、さらにそれらの塩基配列にハイブリダイズする塩基配列であってもよく、これらの誘導体のいずれもが、本発明のグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片に包含されるものである。

【0012】

【実施例】以下、実施例によりさらに具体的に説明する。しかしながら、これらの実施例は本発明の範囲を限定するものではない。

(A) プレバクテリウム・フラバムMJ-233の全DNAの抽出

プレバクテリウム・フラバムMJ-233 (FERM BP-1497) を、半合成培地であるA培地〔組成：尿素 2g、 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 7g、 K_2HPO_4 0.5g、 KH_2PO_4 0.5g、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.5g、 $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 6mg、 $\text{MnSO}_4 \cdot 4\sim 6\text{H}_2\text{O}$ 6mg、酵母エキス 2.5g、カザミノ酸 5g、ビオチン 200 μg 、塩酸チアミン 200 μg 、グルコース 20gを蒸留水に溶解して1リットルとする〕1リットル中で対数増殖期後期まで培養した後に菌体を回収した。

【0013】得られた菌体をリゾチームを10mg/mlの濃度で含有する溶液〔組成：10mM NaCl、20mM トリス緩衝液 (pH8.0)、1mM EDTA \cdot 2Na〕15mlに懸濁した。該懸濁液にプロテナーゼKを100 $\mu\text{g}/\text{ml}$ の最終濃度で添加し、これを37℃で1時間インキュベートした。次に、ドデシル硫酸ナトリウムを最終濃度が0.5%になるように添加し、50℃で6時間インキュベートして溶菌させた。得られた溶菌液に等量のフェノール/クロロホルム溶液を添加して室温で10分間穏やかに振盪した後、その全量を10~12℃で20分間、5,000 \times gの遠心分離に供し、その上清画分を分取した。該上清画分中に酢酸ナトリウムをその濃度が0.3Mとなるように添加し、次いで2倍量のエタノールを穏やかに添加した。水層とエタノール層の間に存在するDNAをガラス棒で掘り取り、これを70%エタノールで洗浄して風乾した。得ら

れたDNAは、溶液〔組成：10mM トリス緩衝液 (pH7.5)、1mM EDTA \cdot 2Na〕5mlを加えて4℃で一晩静置した後、実験に供した。

【0014】(B) *zwf* 遺伝子の部分断片の採取
エシエリヒア・コリ (*Escherichia coli*) [J. Bacteriol., Vol. 173, p. 968 (1991)]、エルウィニア・クリサンセミ (*Erwinia chrysanthemi*) [Gene, Vol. 101, p. 51 (1991)]、および、ロイコノストック・メセンテロイデス (*Leuconostoc mesenteroides*) [J. Biol. Chem., Vol. 266, p. 13028 (1991)] のグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼをコードするDNA遺伝子の塩基配列をもとに推定したアミノ酸配列の相同性部分の配列をもとに遺伝子クローニング用のPCRプライマーDNAを設計した。

【0015】ポリメラーゼ連鎖反応の一例を以下に示す。反応液は以下の組成である。濃度は最終濃度を表す。〔25ユニット/ml Taq DNAポリメラーゼ、10mM トリス-塩酸緩衝液 (pH8.0)、50mM KCl、1.5mM MgCl_2 、0.25mM dATP、0.25mM dCTP、0.25mM dGTP、0.25mM dTTP、0.5 $\mu\text{g}/\text{ml}$ 染色体DNA飽和水溶液、1 μM プライマー1：AT(ATC)GA(TC)CA(TC)TA(TC)(TC)TGGIAA(AG)GA (配列番号1記載のアミノ酸配列174~181を元にして設計した配列：配列番号2)、1 μM プライマー2：GGIACICCI(TG)(GC)CCAIC (配列番号1記載のアミノ酸配列324~329を元にして設計した配列：配列番号3)、として100 μl の反応混合液を用いる。〕
ポリメラーゼ連鎖反応の反応条件は例えば、94℃で1分、55℃で2分、72℃で3分を1サイクルとする25サイクルである。そして上記反応で得られたDNAを精製した。

【0016】それぞれ最終濃度が、50mM トリス-塩酸緩衝液 (pH7.9)、10mM MgCl_2 、20mM ジチオスレイトール、1mM ATP、1unit/10 μl T4DNAリガーゼ、50ng/10 μl pGEM-Tベクター、10ng/10 μl PCR産物 となるように各成分を添加し、16℃で3時間反応させて、PCR産物DNAを結合させた。

【0017】ついで、常法 [J. Mol. Biol., 53, 159 (1970) 参照] に従って、得られた溶液を用いてエシエリヒア・コリJM109を形質転換した。得られた形質転換菌を選択培地〔組成：トリプトン 10g、酵母エキス 5g、NaCl 5g、寒天 15g、アンピシリン 50mg、イソプロピオチオガラクトシド 0.238g、X-gal 0.2g、ジメチルホルムアミド2mlを蒸留水に溶解

して1リットルとする]に塗抹し、37℃で16時間培養した。

【0018】こうして得られたコロニーを青・白カラースクリーニングした。選択培地上に生育した菌株を、アンピシリンを最終濃度で50 μ g/ml含有する培養液[トリプトン 10g、酵母エキス 5g、NaCl 5gを蒸留水に溶解して1リットルとする]に植菌し、これを37℃で7時間培養した。培養液を4℃で10分間、8,000 \times gの遠心分離にかけて菌体を回収した。回収した菌体からアルカリ-SDS法[T. Maniatis, E. F. Fritsch, J. Sambrook, Molecular cloning, p. 90-91 (1982) 参照]によりプラスミドを抽出した。

【0019】次に、得られたプラスミドに挿入された染色体由来の約470bpのDNA断片の塩基配列をジデオキシヌクレオチド酵素法により決定した。具体的には、上記培養物より抽出したプラスミドDNAをパーキン・エルマー社製カトリスト800モレキュラー・バイオロジー・ラボステーション(CATALYST 800 Molecular Biology Labstation; Perkin-Elmer)を用いてプロトコルに従い反応させた後、パーキン・エルマー社製373A DNAシーケンサーによりプラスミドの挿入DNA断片の塩基配列を決定した。

【0020】決定した塩基配列を翻訳して得られるタンパク質と、既知のエシエリヒア・コリのグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼとの相同性の比較により、それがブレヴィバクテリウム・フラバムMJ-233のzwf遺伝子の一部(配列表の配列番号1記載の塩基配列中1148番目から1614番目)であることが判明した。

【0021】(C) zwf 遺伝子の部分断片を含む染色体DNA制限酵素断片の大きさ決定
染色体DNAを制限酵素BamHI、EcoRI、HindIII、SalIでそれぞれ分解した。これらをOncor社製Probe tech 2を用いてサザンハイブリダイゼーション用のナイロンメンブレンフィルターを作成した。

【0022】上記、PCRで得られたzwf遺伝子の部分断片を鋳型に、標識にはアマシャム社製[α -³²P]dCTP AA0005を用いて、宝酒造社製Random Primer DNA Labelling Kit Ver. 2の方法でプローブを標識した。フィルターを以下の組成の溶液[5 \times SSC溶液、5 \times デンハルト溶液、0.5% ドデシル硫酸ナトリウム(SDS)、0.1mg/ml SIGMA社製SALMON TESTES DNA For Hybridization (10mg/ml)]で65℃で2時間プレハイブリダイゼーションを行った。なお20 \times SSC溶液

は、以下の組成[3M NaCl、0.3M クエン酸ナトリウム]、100 \times デンハルト溶液は以下の組成[2% 牛血清アルブミン、2% ポリビニルピロリドン、2% フィコール]である。

【0023】上記で調製したプローブを加え、65℃で一晩、サザンハイブリダイゼーションを行った。フィルターを2 \times SSC、0.1% SDSで65℃、15分間緩やかに振盪させながら洗浄した。次にフィルターを1 \times SSC、0.1% SDSで65℃、15分間緩やかに振盪させながら洗浄した。フィルターを風乾した後、オートラジオグラフィーを行った。読みとりは、富士写真フィルム社製バイオイメージングアナライザーBAS-2000を用いた。

【0024】この結果、zwf 遺伝子の部分断片を含む染色体DNA制限酵素断片の大きさは、BamHI断片、EcoRI断片、HindIII断片、SalI断片が、それぞれ約2kb、3kb、8kb、10kbであった。

(D) zwf 遺伝子の部分断片を含む染色体DNA BamHI断片の単離
0.2% マルトース、10mM MgSO₄を添加したLB培養液に、エシエリヒア・コリP2329を植菌し、37℃で培養した。そして遺伝子ライブラリー λ FIXIIファージ溶液400 μ lにP2329培養液を混合し、37℃で15分間培養した。次に4mlのストップアガー(50℃保温)を加え、入プレートに均一になるように撒いて、37℃で一晩培養した。

【0025】ニトロセルロースフィルターを入プレート上に空気が入らないように静かに置いて、予めフィルターに書いた目印の点をプレートに写した。フィルターを剥がし、吸着面を上にして、以下の混合溶液に浸した濾紙上に置き、順次5分間処理した(溶液1:[0.5M NaOH、1.5M NaCl]、溶液2:[1M トリス-塩酸(pH7.5)、0.75M NaCl]、溶液3:2 \times SSC)。フィルターを乾燥させた後、80℃で30分間加熱してフィルターへDNAを固定化した。

【0026】フィルターを以下の混合溶液[5 \times SSPE、1 \times デンハルト溶液、50%ホルムアミド、0.1mg/ml SIGMA社製SALMON TESTES DNA For Hybridization (10mg/ml)]にて42℃、1時間プレハイブリダイゼーションを行った。20 \times SSPEの組成は、3.6M NaCl、0.2M NaH₂PO₄、0.02M EDTAである。上記(C)項で調製したプローブを加え、42℃で一晩、ハイブリダイゼーションを行った。

【0027】フィルターを5 \times SSPE、1 \times デンハルト溶液、50%ホルムアミド溶液で42℃、15分間緩やかに振盪させながら洗浄した。次にフィルターを2 \times SSPE、0.1% ドデシル硫酸ナトリウム溶液で

42℃、15分間緩やかに振盪させながら洗浄した。フィルターを風乾した後、オートラジオグラフィーを行った。読みとりは、富士写真フイルム社製バイオイメージングアナライザーBAS-2000を用いた。

【0028】目的ブランクのソフトアガロースを砕いて、200 μ lのSM緩衝液に懸濁した。上記溶液10 μ lを、37℃で3～4時間培養したエシエリヒア・コリP2329株300 μ lと混合し、トップアガロースを加えて入プレートに撒いた。37℃で一晩培養し、ブランクを形成させた。この入プレートに4mlのSM緩衝液を加え、トップアガロースを掻き取って、4℃で1時間程緩やかに振盪した。トップアガロースを混入させないように、上澄みを新しいチューブに移し、クロロホルムを数滴加えた。そして5,000rpmで5分間遠心し、上澄みを得た。さらにDNase及びRNase（最終濃度1 μ g/ml）を加え、37℃で15分間保温した。等量の20% ポリエチレングリコール（平均分子量6,000）-2M NaClを加え、氷上で1時間放置した後、4℃、10,000rpmで10分間遠心後、上澄みを完全に除去した。250 μ lのトリス-EDTA緩衝液を加えて懸濁し、5 μ lの10% ドデシル硫酸ナトリウムを加え、68℃で5分間加熱後、10 μ lの5M NaClを加え、等量のフェノール/クロロホルムを加え、よく懸濁した。12,000rpmで10分間遠心し、水層を新しいチューブに移した。イソプロパノール沈殿後、70% エタノール洗浄・乾燥させ、50 μ lのトリス-塩酸緩衝液に懸濁した。

【0029】以上の操作で得られた λ FIXII DNAをBamHIで切断した。切断物をアガロース電気泳動して、zwf遺伝子の一部を含む染色体DNAのBamHI断片を分離・精製した。このBamHI断片約2kbをpUC118でサブクローニングした。サブクローニングしたBamHI断片約2kbを含むpUC118をBamHIで切断し、BamHI断片を回収した。

【0030】(E) zwf遺伝子上流の塩基配列決定 (D)項で得られた大きさ約2kbのDNA断片溶液を制限酵素Sau3AIを用いて37℃で処理してDNA断片を部分分解した。また、クローニングベクターpUC118を制限酵素BamHIで切断した。得られたベクターDNA断片と部分分解DNA断片とを混合し、この混合液にそれぞれ最終濃度が50mM トリス緩衝液(pH7.6)、10mM ジチオスレイトール、1mM ATP、10mM MgCl₂、および1unit/10 μ l T4DNAリガーゼとなるように各成分を添加し、ベクターDNA断片と部分分解DNA断片とを結合させた。

【0031】上記と同様に大きさ約2kbのDNA断片溶液を制限酵素TaqIと反応させて部分分解DNA断片を調製した。クローニングベクターpUC118を制限酵素AccIで切断した後、これを上記と同様にして

部分分解DNAと結合させた。得られたプラスミド混液を用い、常法によりエシエリヒア・コリJM109株を形質転換し、前記の選択培地に塗抹した。

【0032】上記選択培地に生育した菌株を常法に従い液体培養し、得られた培養物よりプラスミドDNAを抽出した。抽出したプラスミドDNAを用いて、ベクターpUC118に挿入された部分分解DNA断片の塩基配列を決定した。そして、これらの個々の配列の連結は、パーキン・エルマー社製のシーケンズ解析ソフト オートアッセンブラー(Auto assembler)を用いて行った。

【0033】この結果、配列表1記載の塩基配列中の1番目から1965番目の塩基配列が判明した。それを翻訳したタンパク質のアミノ酸一次構造と既知のエシエリヒア・コリのグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼのアミノ酸一次構造との相同性の比較により、配列表1記載の塩基配列中の629番目から1965番目がプレビアクテウム・フラバムMJ-233のグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼ遺伝子のオープンリーディングフレームの上流であることが判明した。

【0034】(F) zwf遺伝子の全塩基配列決定 オープンリーディングフレームの下流部分をクローニングするために、インバースポリメラーゼ連鎖反応[例えば、結城惇、実験医学、Vol. 8, No. 9(増刊)、p. 49(1990)参照]を行った。まず染色体DNAをEcoRIで分解した。このDNA分解物をアガロースゲル電気泳動した後、(C)で得られた結果を参考にして3kb前後のDNA分解物を含むアガロースゲルを切り出した。

【0035】このアガロースゲル中から、BIO101社製GENECLEAN IIを用いてDNA分解物を抽出した。そして以下の組成[50mM トリス-塩酸緩衝液(pH7.9)、10mM MgCl₂、20mM ジチオスレイトール、1mM ATP、1unit/10 μ l T4DNAリガーゼ、10 μ g/ml 染色体DNAのEcoRI分解物]となるように各成分を添加し、16℃で一晩反応させて、DNA分解物を自己結合させた。

【0036】続いて、プライマー対[CTGAGCTGAAGATTC TGG(配列番号1記載の塩基配列の1943番目から1959番目:配列番号4)、CGAAGCTGCATCATCATC(配列番号1記載の塩基配列の875番目から893番目の相補鎖:配列番号5)]を用いて、上記の自己結合染色体DNA EcoRI分解物を鋳型に、常法でポリメラーゼ連鎖反応をした。

【0037】得られたDNAを前記の方法でpGEM-Tベクターに結合し、エシエリヒア・コリJM109でサブクローニングし、アルカリ-SDS法で抽出した。そして挿入断片の塩基配列をジデオキシヌクレオチド酢酸法で決定した結果、配列表1記載の塩基配列中196

6番目から2260番目の塩基配列であることが明らかになった。

【0038】以上の結果、配列表1に示す大きさ約2、260bpのDNA塩基配列を決定した。決定した塩基配列中にはオープンリーディングフレームの存在が認められた。それを翻訳したタンパク質のアミノ酸一次構造と既知のエシエリヒア・コリのグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼのアミノ酸一次構造との相同性の比較により、配列表の配列番号1記載の塩基配列中629番目から2083番目ががブレヴィバクテリウム・フラバム MJ-233のグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼ遺伝子であり、該酵素のアミノ酸配列は、配列番号1記載のアミノ酸配列であることが判明した。

【0039】

【発明の効果】本発明により提供されるグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼをコードする遺伝子を用いてコリネ型細菌を育種改良することにより、グルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼ高産生能を有するコリネ型細菌の取得が可能となる。

【0040】

【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：2260

鎖の数：二本鎖

配列の型：核酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

配列

| | |
|--|------|
| GATCGATGA GGCTTTGGCT CTGCGTGGCA AGGCAGGCGT TGCCAACGCT CAGCGCGCTT | 60 |
| ACGCTGTGTA CAAGGAGCTT TTCGACGCCG CCGAGCTGCC TGTAAGGCGC CAACACTCAG | 120 |
| CGCCCACTGT GGGCATCCAC CGGCGTGAAG AACCTGCGT ACGCTGCAAC TCTTTACGTT | 180 |
| TCCGAGCTGG CTGGTCCAAA CACCGTCAAC ACCATGCCAG AAGGCACCAT CGACGCTGTT | 240 |
| CTGGAACCTGG GCAACCTGCA CGGTGACAAC CTGTCCAACT CCGCGGCAGA AGCTGACGCT | 300 |
| GTGTTCTCCC AGCTTGAGGC TCTGGGCGTT GACTTGGCAG ATGCTTCCA GGTCTGGAG | 360 |
| ACCGAGGCCG TGGACAAGTT CGTTGCTTCT TGGAGCGAAC TGCTTGAGTC CATGGAAGCT | 420 |
| CGCCTGAAGT AGAATCAGCA CGCTGCATCA GTAACGGCGA CATGAAATCG AATTAGTTCCG | 480 |
| ATCTTATGTG GCCGTACAC ATCTTTCATT AAAGAAAGGA TCGTGACGCT TACCATCGTG | 540 |
| AGCACAAAAC ACGACCCCTT CCAGCTGGAC AAACCCACTG CGCGACCCGC AGGATAAACG | 600 |
| ACTCCCCCGC ATCGCTGGCC CTTCGCGC | 628 |
| ATG GTG ATC TTC GGT GTC ACT GGC GAC TTG GCT CGA AAG AAG CTG CTC | 676 |
| Met Val Ile Phe Gly Val Thr Gly Asp Leu Ala Arg Lys Lys Leu Leu | |
| 1 5 10 15 | |
| CCC GCC ATT TAT GAT CTA GCA AAC CGC GGA TTG CTG CCC CCA GGA TTC | 724 |
| Pro Ala Ile Tyr Asp Leu Ala Asn Arg Gly Leu Leu Pro Pro Gly Phe | |
| 20 25 30 | |
| TCG TTG GTA GGT TAC GGC CGC CGC GAA TGG TCC AAA GAA GAC TTT GAA | 772 |
| Ser Leu Val Gly Tyr Gly Arg Arg Glu Trp Ser Lys Glu Asp Phe Glu | |
| 35 40 45 | |
| AAA TAC GTA CGC GAT GCC GCA AGT GCT GGT GCT CGT ACG GAA TTC CGT | 820 |
| Lys Tyr Val Arg Asp Ala Ala Ser Ala Gly Ala Arg Thr Glu Phe Arg | |
| 50 55 60 | |
| GAA AAT GTT TGG GAG CGC CTC GCC GAG GGT ATG GAA TTT GTT CGC GGC | 868 |
| Glu Asn Val Trp Glu Arg Leu Ala Glu Gly Met Glu Phe Val Arg Gly | |
| 65 70 75 80 | |
| AAC TTT GAT GAT GAT GCA GCT TTC GAC AAC CTC GCT GCA ACA CTC AAG | 916 |
| Asn Phe Asp Asp Asp Ala Ala Phe Asp Asn Leu Ala Ala Thr Leu Lys | |
| 85 90 95 | |
| CGC ATC GAC AAA ACC CGC GGC ACC GGC AAC TGG GCT TAC TAC CTG | 964 |
| Arg Ile Asp Lys Thr Arg Gly Thr Ala Gly Asn Trp Ala Tyr Tyr Leu | |
| 100 105 110 | |
| TCC ATT CCA CCA GAT TCC TTC GCA GCG GTC TGC CAC CAG CTG GAG CGT | 1012 |
| Ser Ile Pro Pro Asp Ser Phe Ala Ala Val Cys His Gln Leu Glu Arg | |
| 115 120 125 | |

| | |
|---|------|
| TCC GGC ATG GCT GAA TCC ACC GAA GAA GCA TGG CGC CGC GTG ATC ATC Ser Gly Met Ala Glu Ser Thr Glu Glu Ala Trp Arg Arg Val Ile Ile 130 135 140 | 1060 |
| GAG AAG CCT TTC GGC CAC AAC CTC GAA TCC GCA CAC GAG CTC AAC CAG Glu Lys Pro Phe Gly His Asn Leu Glu Ser Ala His Glu Leu Asn Gln 145 150 155 160 | 1108 |
| CTG GTC AAC GCA GTC TTC CCA GAA TCT TCT GTG TTC CGC ATC GAC CAC Leu Val Asn Ala Val Phe Pro Glu Ser Ser Val Phe Arg Ile Asp His 165 170 175 | 1156 |
| TAT TTG GGC AAG GAA ACA GTT CAA AAC ATC CTG GCT CTG CGT TTT GCT Tyr Leu Gly Lys Glu Thr Val Gln Asn Ile Leu Ala Leu Arg Phe Ala 180 185 190 | 1204 |
| AAC CAG CTG TTT GAG CCA CTG TGG AAC TCC AAC TAC GTT GAC CAC GTC Asn Gln Leu Phe Glu Pro Leu Trp Asn Ser Asn Tyr Val Asp His Val 195 200 205 | 1252 |
| CAG ATC ACC ATG GCT GAA GAT ATT GGC TTG GGT GGA CGT GCT GGT TAC Gln Ile Thr Met Ala Glu Asp Ile Gly Leu Gly Gly Arg Ala Gly Tyr 210 215 220 | 1300 |
| TAC GAC GGC ATC GGC GCA GCC CGC GAC GTC ATC CAG AAC CAC CTG ATC Tyr Asp Gly Ile Gly Ala Ala Arg Asp Val Ile Gln Asn His Leu Ile 225 230 235 240 | 1348 |
| CAG CTC TTG GCT CTG GTT GCC ATG GAA GAA CCA ATT TCT TTC GTG CCA Gln Leu Leu Ala Leu Val Ala Met Glu Glu Pro Ile Ser Phe Val Pro 245 250 255 | 1396 |
| GCG CAG CTG CAG GCA GAA AAG ATC AAG GTG CTC TCT GCG ACA AAG CCG Ala Gln Leu Gln Ala Glu Lys Ile Lys Val Leu Ser Ala Thr Lys Pro 260 265 270 | 1444 |
| TGC TAC CCA TTG GAT AAA ACC TCC GCT CGT GGT CAG TAC GCT GCC GGT Cys Tyr Pro Leu Asp Lys Thr Ser Ala Arg Gly Gln Tyr Ala Ala Gly 275 280 285 | 1492 |
| TGG CAG GGC TCT GAG TTA GTC AAG GGA CTT CGC GAA GAA GAT GGC TTC Trp Gln Gly Ser Glu Leu Val Lys Gly Leu Arg Glu Glu Asp Gly Phe 290 295 300 | 1540 |
| AAC CCT GAG TCC ACC ACT GAG ACT TTT GCG GCT TGT ACC TTA GAG ATC Asn Pro Glu Ser Thr Thr Glu Thr Phe Ala Ala Cys Thr Leu Glu Ile 305 310 315 320 | 1588 |
| ACG TCT CGT CGC TGG GCT GGT GTG CCG TTC TAC CTG CGC ACC GGT AAG Thr Ser Arg Arg Trp Ala Gly Val Pro Phe Tyr Leu Arg Thr Gly Lys 325 330 335 | 1636 |
| CGT CTT GGT CGC CGT GTT ACT GAG ATT GCC GTG GTG TTT AAA GAC GCA Arg Leu Gly Arg Arg Val Thr Glu Ile Ala Val Val Phe Lys Asp Ala 340 345 350 | 1684 |
| CCA CAC CAG CCT TTC GAC GGC GAC ATG ACT GTA TCC CTT GGC CAA AAC Pro His Gln Pro Phe Asp Gly Asp Met Thr Val Ser Leu Gly Gln Asn 355 360 365 | 1732 |
| GCC ATC GTG ATT CGC GTG CAG CCT GAT GAA GGT GTG CTC ATC CGC TTC Ala Ile Val Ile Arg Val Gln Pro Asp Glu Gly Val Leu Ile Arg Phe 370 375 380 | 1780 |
| GGT TCC AAG GTT CCA GGT TCT GCC ATG GAA GTC CGT GAC GTC AAC ATG Gly Ser Lys Val Pro Gly Ser Ala Met Glu Val Arg Asp Val Asn Met | 1828 |

```

385          390          395          400
GAC TTC TCC TAC TCA GAA TCC TTC ACT GAA GAA TCA CCT GAA GCA TAC 1876
Asp Phe Ser Tyr Ser Glu Ser Phe Thr Glu Glu Ser Pro Glu Ala Tyr
          405          410          415
GAG CGC CTT ATC TTg GAT GCG CTG TTG GAT GAA TCC AGC CTT TTC CCT 1924
Glu Arg Leu Ile Leu Asp Ala Leu Leu Asp Glu Ser Ser Leu Phe Pro
          420          425          430
ACC AAC GAG GAA GTG GAA CTG AGC TGG AAG ATT CTG GAT CCA ATT CTT 1972
Thr Asn Glu Glu Val Glu Leu Ser Trp Lys Ile Leu Asp Pro Ile Leu
          435          440          445
GAA GCA TGG GAT GCC GAT GGA GAA CCA GAG GAT TAC CCA GCA GGT ACG 2020
Glu Ala Trp Asp Ala Asp Gly Glu Pro Glu Asp Tyr Pro Ala Gly Thr
          450          455          460
TGG GGT CCA AAG AGC GCT GAT GAA ATG CTT TCC CGC AAC GGT CAC ACC 2068
Trp Gly Pro Lys Ser Ala Asp Glu Met Leu Ser Arg Asn Gly His Thr
          465          470          475          480
TGG CGC AGG CCA TAATTTAGGG GCAAAAAATG ATCTTTGAAC TTCCGGATAC 2120
Trp Arg Arg Pro
          484
CACCACCCAG CAAATTTCCA AGACCCTAAC TCGACTGCGT GAATCGGGCA CCCAGGTCAC 2180
CACCGGCCGA GTGCTCACCC TCATCGTGGT CACTGACTCC GAAAGCGATG TCGCTGCAGT 2240
TACCGAGTCC ACCAATGAAG 2260

```

配列番号: 2

配列の長さ:

鎖の数: 1 本鎖

配列の型: 核酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 他の核酸 (合成 DNA)

配列

ATHGAYCAYT AYYTNGGNAA RGA

23

NIはイノシンを表す。

配列番号: 3

配列の長さ:

鎖の数: 1 本鎖

配列の型: 核酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 他の核酸 (合成 DNA)

配列

GGNACCCNK SCCANC

16

NIはイノシンを表す。

配列番号: 4

配列の長さ:

鎖の数: 1 本鎖

配列の型: 核酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 他の核酸 (合成 DNA)

配列

CTGAGCTGGA AGATTCTGG

19

配列番号: 5

配列の長さ:

鎖の数: 1 本鎖

配列の型: 核酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 他の核酸 (合成 DNA)

配列

CGAAAGCTGC ATCATCATC

19

フロントページの続き

(51) Int. Cl.⁶

識別記号

庁内整理番号

F I

技術表示箇所

C 1 2 R 1:13)

(C 1 2 N 1/20

C 1 2 R 1:13)

(72)発明者 湯川 英明
茨城県稲敷郡阿見町中央八丁目3番1号
三菱化学株式会社筑波研究所内